RESULT 9
US-09-641-319D-73
; Sequence 73, Application US/09641319D
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Slater, Michael R.
;   APPLICANT: Huang, Fen R.
;   APPLICANT: Hartnett, James R.
;   TITLE OF INVENTION: Mutant TNE Polymerases
;   FILE REFERENCE: PRMG-04578
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/641,319D
;   CURRENT FILING DATE: 2000-08-18
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/385,986
;   PRIOR FILING DATE: 1999-08-30
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: 08/484,661
;   PRIOR FILING DATE: 1995-06-07
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 75
;   SOFTWARE: PatentIn version 3.2
; SEQ ID NO 73
;   LENGTH: 928
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: Escherichia coli
US-09-641-319D-73

  Query Match   100.0%; Score 4727; DB 26; Length 928;
  Best Local Similarity   100.0%;
  Matches 928; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1 MVQIPQNPLILVDGSSYLRAYHAFPPLTNSAGEPTGAMYGVLNMLRSLIMQYKPTHAAV 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 MVQIPQNPLILVDGSSYLRAYHAFPPLTNSAGEPTGAMYGVLNMLRSLIMQYKPTHAAV 60

Qy   61 VFDAKGKTFRDELFEHYKSHRPPMPDDLRAQIEPLHAMVKAMGLPLLAVSGVEADDVIGT 120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   61 VFDAKGKTFRDELFEHYKSHRPPMPDDLRAQIEPLHAMVKAMGLPLLAVSGVEADDVIGT 120

Qy   121 LAREAEKAGRPVLISTGDKDMAQLVTPNITLINTMTNTILGPEEVVNKYGVPPELIIDFL 180
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 LAREAEKAGRPVLISTGDKDMAQLVTPNITLINTMTNTILGPEEVVNKYGVPPELIIDFL 180

Qy   181 ALMGDSSDNIPGVPGVGEKTAQALLQGLGGLDTLYAEPEKIAGLSFRGAKTMAAKLEQNK 240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 ALMGDSSDNIPGVPGVGEKTAQALLQGLGGLDTLYAEPEKIAGLSFRGAKTMAAKLEQNK 240

Qy   241 EVAYLSYQLATIKTDVELELTCEQLEVQQPAAEELLGLFKKYEFKRWTADVEAGKWLQAK 300
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 EVAYLSYQLATIKTDVELELTCEQLEVQQPAAEELLGLFKKYEFKRWTADVEAGKWLQAK 300

Qy   301 GAKPAAKPQETSVADEAPEVTATVISYDNYVTILDEETLKAWIAKLEKAPVFAFDTETDS 360
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 GAKPAAKPQETSVADEAPEVTATVISYDNYVTILDEETLKAWIAKLEKAPVFAFDTETDS 360

Qy   361 LDNISANLVGLSFAIEPGVAAYIPVAHDYLDAPDQISRERALELLKPLLEDEKALKVGQN 420
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 LDNISANLVGLSFAIEPGVAAYIPVAHDYLDAPDQISRERALELLKPLLEDEKALKVGQN 420

Qy   421 LKYDRGILANYGIELRGIAFDTMLESYILNSVAGRHDMDSLAERWLKHKTITFEEIAGKG 480
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
Db      421  LKYDRGILANYGIELRGIAFDTMLESYILNSVAGRHDMDSLAERWLKHKTITFEEIAGKG  480

Qy      481  KNQLTFNQIALEEAGRYAAEDADVTLQLHLKMWPDLQKHKGPLNVFENIEMPLVPVLSRI  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481  KNQLTFNQIALEEAGRYAAEDADVTLQLHLKMWPDLQKHKGPLNVFENIEMPLVPVLSRI  540

Qy      541  ERNGVKIDPKVLHNHSEELTLRLAELEKKAHEIAGEEFNLSSTKQLQTILFEKQGIKPLK  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541  ERNGVKIDPKVLHNHSEELTLRLAELEKKAHEIAGEEFNLSSTKQLQTILFEKQGIKPLK  600

Qy      601  KTPGGAPSTSEEVLEELALDYPLPKVILEYRGLAKLKSTYTDKLPLMINPKTGRVHTSYH  660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601  KTPGGAPSTSEEVLEELALDYPLPKVILEYRGLAKLKSTYTDKLPLMINPKTGRVHTSYH  660

Qy      661  QAVTATGRLSSTDPNLQNIPVRNEEGRRIRQAFIAPEDYVIVSADYSQIELRIMAHLSRD  720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661  QAVTATGRLSSTDPNLQNIPVRNEEGRRIRQAFIAPEDYVIVSADYSQIELRIMAHLSRD  720

Qy      721  KGLLTAFAEGKDIHRATAAEVFGLPLETVTSEQRRSAKAINFGLIYGMSAFGLARQLNIP  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721  KGLLTAFAEGKDIHRATAAEVFGLPLETVTSEQRRSAKAINFGLIYGMSAFGLARQLNIP  780

Qy      781  RKEAQKYMDLYFERYPGVLEYMERTRAQAKEQGYVETLDGRRLYLPDIKSSNGARRAAAE  840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781  RKEAQKYMDLYFERYPGVLEYMERTRAQAKEQGYVETLDGRRLYLPDIKSSNGARRAAAE  840
                                                  879
Qy      841  RAAINAPMQGTAADIIKRAMIAVDAWLQAEQPRVRMIMQVHDELVFEVHKDDVDAVAKQI  900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841  RAAINAPMQGTAADIIKRAMIAVDAWLQAEQPRVRMIMQVHDELVFEVHKDDVDAVAKQI  900

Qy      901  HQLMENCTRLDVPLLVEVGSGENWDQAH  928
             ||||||||||||||||||||||||||||
Db      901  HQLMENCTRLDVPLLVEVGSGENWDQAH  928
```

EAST SEARCH:

BRS   L1   2282   t7 adj DNA adj polymerase   USPAT 2010/09/12 12:43

BRS   L2   4   l1 and (enhanced adj mismatch adj discrimination)   USPAT 2010/09/12
12:44

BRS   L3   63073 polymerase USPAT 2010/09/12 12:45

BRS   L4   661   l3 and (t7.clm.) USPAT 2010/09/12 12:45

BRS   L5   32   l4 and (reduced.clm.)   USPAT 2010/09/12 12:46

         BRS   L6   11   l4 and (enhanced.clm.) USPAT 2010/09/12 12:46